

EXPRESIÓN DE PROTEÍNAS EN *Bacillus altitudinis* EN DIFERENTES SUELOS

ONETTO, Andrea L.^a; CORTESE, Iliana J.^a; ZAPATA, Pedro D.^{a, b}; CASTRILLO, María L.^{a, b}; LACZESKI, Margarita E.^{a, b, c, *}

^a Universidad Nacional de Misiones. Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales. Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" (INBIOMIS). Laboratorio de Biotecnología Molecular. Misiones, Argentina. ^b CONICET. Buenos Aires, Argentina. ^c Cátedra de Bacteriología. Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales (FCEQyN). Universidad Nacional de Misiones (UNaM). Avda. Mariano Moreno 1375, Posadas (3300), Misiones, Argentina.

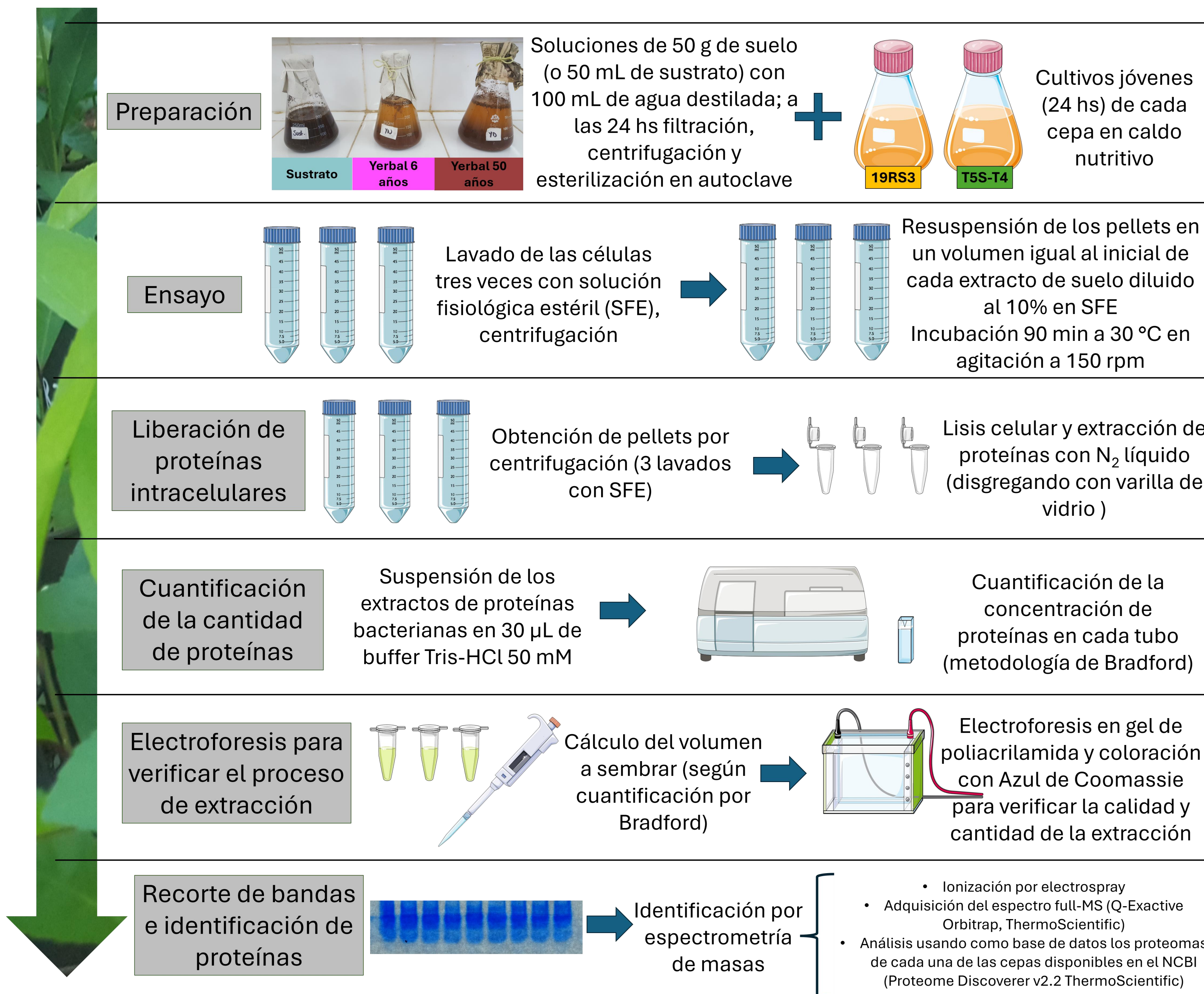
* Autor para correspondencia: Dra. Margarita Laczeski (melaczeski@fceqyn.unam.edu.ar)

Palabras clave: *Bacillus altitudinis*; PGPR; EXTRACCIÓN DE PROTEÍNAS; PROTEÓMICA; ORBITRAP

Problema Introducción

La yerba mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil) es una especie de gran importancia agrícola en Misiones. Para potenciar su cultivo, se seleccionaron dos **bacterias promotoras del crecimiento vegetal (*Bacillus altitudinis* 19RS3 y T5S-T4)**, con vistas a desarrollar un producto biofertilizante. Dada la variedad de suelos y sustratos donde se cultiva esta especie vegetal, es de interés conocer el comportamiento diferencial de cada cepa al aplicarse a diferentes suelos. En particular se seleccionó para su estudio **sustrato de vivero ("Sustrato")**, **tierra de un yerbal en producción hace más de 50 años ("Y50")** y tierra de un **yerbal en producción hace 6 años ("Y6")**.

Enfoque metodológico



Imágenes de Servier Medical Art, usadas bajo licencia CC BY 4.0.

Conclusiones e importancia del trabajo

Los resultados obtenidos permitirán continuar el estudio de las proteínas implicadas en la capacidad de promoción del crecimiento de estas cepas, lo que contribuirá a identificar las condiciones en las que resultará más óptima su aplicación y uso, potenciando las capacidades biotecnológicas de dichas cepas.

Objetivos planteados

Desarrollar una metodología fácil y rápida para la extracción de las proteínas sintetizadas por cada cepa al ponerse en contacto con los suelos estudiados.
Identificarlas mediante espectrometría de masas.

Principales resultados

Se identificaron **1270 proteínas diferentes para la cepa T5S-T4** (1265 en Y6, 1261 en Sustrato y 1257 en Y50) y **1098 para la cepa 19RS3** (1096 en Y6, 1095 en Sustrato y 1095 en Y50).

Se logró mediante la metodología planteada una extracción exitosa de proteínas, con calidad y cantidad aceptable para el estudio proteómico. La mayor cantidad de proteínas diferentes se identificaron en la cepa T5S-T4, y en relación a las tres condiciones estudiadas, para ambas cepas la condición en la cual se identificaron la mayoría de las proteínas fue Y6.